

BIOINFORMÁTICA APLICADA NO ENSINO MÉDIO BRASILEIRO: UMA REVISÃO INTEGRATIVA DA LITERATURA

BIOINFORMATICS APPLIED IN BRAZILIAN HIGH SCHOOL EDUCATION: AN INTEGRATIVE LITERATURE REVIEW

BIOINFORMÁTICA APLICADA EN LA EDUCACIÓN SECUNDARIA BRASILEÑA: UNA REVISIÓN INTEGRADORA DE LA LITERATURA

Gabriel Felipe Martins Magalhães¹

RESUMO: A transição para o século XXI impõe à educação básica brasileira o alinhamento de práticas pedagógicas com inovações tecnológicas, especialmente em áreas abstratas como Genética e Biologia Molecular. A Bioinformática, campo interdisciplinar que integra biologia, computação e estatística, emerge como ferramenta promissora para mitigar barreiras cognitivas, promovendo alfabetização científica e letramento digital por meio de simulações *in silico*. Esta revisão integrativa da literatura, ancorada na metodologia de Whittemore e Knafl (2005), objetiva mapear estratégias metodológicas e impactos pedagógicos da Bioinformática no Ensino Médio brasileiro. A busca sistemática, realizada em bases como Google Acadêmico e Portal CAPES (2020-2026), resultou em 10 estudos selecionados após triagem rigorosa, excluindo abordagens periféricas ou focadas no ensino superior. Os resultados organizam-se em três eixos: (1) modelação tridimensional de biomoléculas, reduzindo abstração via plataformas como NCBI e OLATCG; (2) transposição didática com metodologias ativas, elevando engajamento discente; (3) hibridização curricular, fomentando pensamento computacional por linguagens como Python e Scratch. Impactos incluem maior compreensão conceitual, motivação e alinhamento com itinerários formativos STEM. Contudo, gargalos infraestruturais, exclusão digital e necessidade de formação docente limitam a escalabilidade. Conclui-se pela urgência de políticas públicas para consolidar a Bioinformática como eixo estruturante, preparando jovens para a era dos dados biológicos.

Palavras-chave: Bioinformática. Ensino Médio. Alfabetização Científica. Pensamento Computacional. Modelagem Tridimensional.

¹Mestrando em Educação Tecnológica pelo Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais (CEFET-MG). Possui MBA em Gestão Estratégica de Pessoas pelo Centro Universitário Una (2016) e graduação em Psicologia pela mesma instituição (2014).

ABSTRACT: The transition to the twenty-first century requires Brazilian K–12 education to align pedagogical practices with technological innovation, particularly in abstract areas such as Genetics and Molecular Biology. Bioinformatics, an interdisciplinary field integrating biology, computer science, and statistics, emerges as a promising tool to reduce cognitive barriers and promote scientific and digital literacy through in silico simulations. This integrative literature review, based on Whittemore and Knafl’s (2005) framework, aims to map methodological strategies and pedagogical impacts of bioinformatics in Brazilian high school education. A systematic search conducted in Google Scholar and the CAPES Portal (2020–2026) identified 10 studies after rigorous screening, excluding peripheral approaches and higher education contexts. Findings are organized into three axes: (1) three-dimensional biomolecular modeling to reduce abstraction using platforms such as NCBI and OLATCG; (2) didactic transposition through active learning methodologies to increase student engagement; and (3) curricular integration fostering computational thinking through programming languages such as Python and Scratch. Reported outcomes include improved conceptual understanding, greater motivation, and alignment with STEM pathways. However, infrastructural limitations, the digital divide, and insufficient teacher training constrain scalability, underscoring the need for public policies to establish bioinformatics as a structural component of secondary education.

Keywords: Bioinformatics. High School Education. Scientific Literacy. Computational Thinking. Three-Dimensional Modeling.

RESUMEN: La transición hacia el siglo XXI exige a la educación básica brasileña alinear sus prácticas pedagógicas con las innovaciones tecnológicas, especialmente en áreas abstractas como la Genética y la Biología Molecular. La Bioinformática, campo interdisciplinar que integra biología, informática y estadística, se presenta como una herramienta prometedora para mitigar barreras cognitivas y promover la alfabetización científica y la competencia digital mediante simulaciones in silico. Esta revisión integradora de la literatura, basada en la metodología de Whittemore y Knafl (2005), tiene como objetivo identificar estrategias metodológicas e impactos pedagógicos de la Bioinformática en la Educación Secundaria brasileña. La búsqueda sistemática en Google Académico y Portal CAPES (2020-2026) permitió seleccionar 10 estudios tras un cribado riguroso, excluyendo enfoques periféricos o centrados en la educación superior. Los resultados se estructuran en tres ejes: modelización tridimensional de biomoléculas mediante plataformas como NCBI y OLATCG; aplicación de metodologías activas para aumentar la implicación del alumnado; e integración curricular orientada al desarrollo del pensamiento computacional con lenguajes como Python y Scratch. Se observan mejoras en la comprensión conceptual, la motivación y la alineación con itinerarios STEM. Persisten, no obstante, limitaciones infraestructurales, brecha digital y carencias en la formación docente, lo que restringe su escalabilidad y refuerza la necesidad de políticas públicas específicas.

Palabras clave: Bioinformática. Educación Secundaria. Alfabetización Científica. Pensamiento Computacional. Modelado Tridimensional.

INTRODUÇÃO

A transição para o século XXI tem demandado da educação básica uma constante atualização de suas práticas pedagógicas, de modo a incorporar avanços científicos e tecnológicos que caracterizam a produção contemporânea do conhecimento. A Bioinformática, definida como o campo interdisciplinar que combina biologia, ciência da computação,

matemática e estatística para o processamento, análise e interpretação de dados biológicos em larga escala, ocupa posição central nesse processo. Seu desenvolvimento acelerado, impulsionado pelo avanço das tecnologias de sequenciamento genético e pela acumulação exponencial de dados ômicos, transformou a investigação em ciências da vida, tornando-a dependente de ferramentas computacionais para a compreensão de fenômenos biológicos complexos.

No contexto da educação em nível médio, a introdução da Bioinformática oferece uma oportunidade para superar limitações tradicionais no ensino de conteúdos como Genética e Biologia Molecular, frequentemente percebidos pelos estudantes como abstratos e distantes de sua realidade cotidiana. A utilização de recursos *in silico*, como bancos de dados públicos, *softwares* de visualização molecular e ambientes de programação simples, permite que os alunos explorem estruturas biomoleculares, simulem processos celulares e manipulem sequências genéticas reais, promovendo uma abordagem ativa e investigativa ao aprendizado. Essa perspectiva contribui para a construção de uma alfabetização científica mais robusta, na qual o estudante não apenas memoriza conceitos, mas participa da construção de explicações baseadas em evidências.

Além disso, a integração da Bioinformática no currículo do Ensino Médio estimula o interesse pela ciência ao demonstrar sua conexão com problemas reais da sociedade contemporânea, como o desenvolvimento de terapias personalizadas, a conservação da biodiversidade e o enfrentamento de desafios em saúde pública. Ao mesmo tempo, fomenta o letramento digital e o pensamento computacional, competências alinhadas às demandas dos itinerários formativos do Novo Ensino Médio e às carreiras em áreas STEM (Science, Technology, Engineering and Mathematics). Estudos indicam que abordagens que combinam biologia e computação aumentam o engajamento discente, fortalecem a autonomia intelectual e aproximam os jovens de trajetórias profissionais interdisciplinares.

Apesar desse potencial, observa-se ainda uma lacuna entre o avanço da Bioinformática na pesquisa científica e sua inserção sistemática nas práticas pedagógicas da educação básica brasileira. Experiências documentadas tendem a se restringir a iniciativas isoladas ou projetos-piloto, o que evidencia a necessidade de mapear as estratégias já empregadas, avaliar seus resultados e identificar barreiras à implementação mais ampla.

Nesse cenário, o presente artigo objetiva analisar a produção científica nacional recente sobre a aplicação da Bioinformática no Ensino Médio brasileiro. Por meio de uma revisão

integrativa da literatura, busca-se sintetizar as principais estratégias metodológicas adotadas, examinar as ferramentas tecnológicas mais utilizadas e discutir os impactos pedagógicos observados no processo de ensino-aprendizagem.

MÉTODOS

O presente estudo caracteriza-se como uma revisão integrativa da literatura. Trata-se de um delineamento metodológico amplo que possibilita a síntese de múltiplos estudos publicados para proporcionar uma compreensão abrangente sobre um fenômeno específico. Para o desenvolvimento desta pesquisa, adotou-se o referencial metodológico atualizado proposto por Whittemore e Knafl (2005). Segundo as autoras, a revisão integrativa destaca-se pelo seu rigor e pluralidade, sendo a "única abordagem que permite a combinação de diversas metodologias (por exemplo, pesquisa experimental e não experimental), e tem o potencial de desempenhar um papel maior na prática baseada em evidências" (Whittemore; Knafl, 2005, p. 547, tradução nossa).

Para assegurar a validade e a replicabilidade do estudo, a construção metodológica seguiu as cinco etapas interdependentes preconizadas por Whittemore e Knafl (2005): (1) identificação do problema; (2) busca na literatura; (3) avaliação dos dados; (4) análise dos dados; e (5) apresentação dos resultados.

4

Na primeira etapa, referente à identificação do problema, a questão de pesquisa original foi refinada para garantir maior precisão epistemológica. Desse modo, o estudo foi ancorado pela seguinte pergunta norteadora: Quais são as principais estratégias metodológicas e os impactos pedagógicos da aplicação da Bioinformática no Ensino Médio brasileiro?

A segunda etapa compreendeu a busca sistemática na literatura, conduzida mediante o uso da seguinte chave de busca booleana estruturada: "*Bioinformática*" AND "*Ensino*" AND ("*Educação básica*" OR "*Ensino Médio*"). O levantamento ocorreu no recorte temporal de 2020 a 2026, visando mapear o estado da arte e as práticas contemporâneas. As buscas foram realizadas em três bases de dados principais. O Google Acadêmico retornou 211 resultados, enquanto o Portal de Periódicos CAPES apresentou 5 estudos aderentes à *string*. A base Scientific Electronic Library Online (SciELO) não retornou resultados na busca estruturada e, mesmo após uma busca persistente e flexibilizada utilizando descritores livres, não foram encontrados trabalhos que atendessem aos critérios. Por essa razão, a base SciELO foi descartada da fase de extração de dados.

A terceira etapa exigiu a delimitação dos dados por meio de critérios de elegibilidade. Como critérios de inclusão, admitiram-se artigos e trabalhos acadêmicos de base empírica ou relatos de intervenção desenvolvidos no Brasil, que apresentassem a aplicação prática e os resultados diretos do uso da Bioinformática em salas de aula do Ensino Médio. Em contrapartida, excluíram-se do corpus analítico: pesquisas situadas em contextos educacionais estrangeiros; estudos de abordagem predominantemente focada em STEM que tratassem a Bioinformática de forma apenas periférica ou superficial; e trabalhos teóricos que apenas citassem ou sugerissem o uso da área, sem evidenciar uma intervenção ou transposição didática real.

Na quarta etapa, procedeu-se à triagem e análise crítica dos dados recuperados. Após a remoção de duplicatas e a leitura flutuante de títulos e resumos, 14 trabalhos foram pré-selecionados e lidos na íntegra. Destes, quatro artigos foram excluídos por focarem majoritariamente na inserção da Bioinformática no Ensino Superior ou restritos à capacitação teórica de professores, não apresentando os resultados práticos e a assimilação dessa capacitação com alunos do Ensino Médio. A amostra final consolidou-se, portanto, em 10 estudos primários, que foram categorizados, codificados e sintetizados. Todo o processo de identificação, triagem, elegibilidade e inclusão dos estudos está sumarizado no fluxograma representativo a seguir (Figura 1).

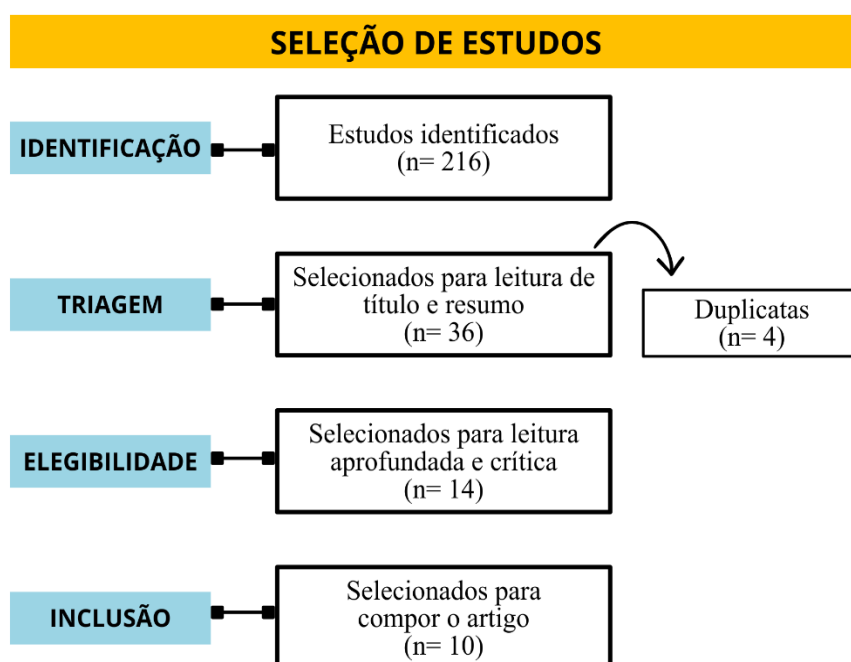


Figura 1. Fonte: O autor, 2026.

Os 10 estudos selecionados, listados na Tabela 1, sintetizam as principais tendências, desafios de implementação e estratégias didáticas contemporâneas para a inserção da Bioinformática no Ensino Médio brasileiro. A análise desses estudos permitiu organizar os resultados em três eixos temáticos principais: (1) modelação tridimensional de biomoléculas para redução da abstração; (2) transposição didática com metodologias ativas para aumento do engajamento discente; e (3) hibridização curricular fomentando o pensamento computacional por meio de linguagens de programação..

Autores (ABNT)	Título do Artigo/Trabalho	Ano
Andrade, F. S. <i>et al.</i>	Estratégia metodológica para utilização do NCBI como ferramenta para ensino de genética básica	2025
Cezar-De-Mello, P. F. T. <i>et al.</i>	Há espaço para a Bioinformática no Ensino de Biologia? Lições de estudantes do Ensino Médio	2023
Costa, H. L. <i>et al.</i>	Teaching bioinformatics programming in high school: a case report	2024
Costa, H. L. <i>et al.</i>	Por que ensinar Bioinformática no Ensino Médio?	2026
Mendes, A. C. O. <i>et al.</i>	A Utilização de uma ferramenta de Bioinformática (OLATCG) para o ensino de Genética no Ensino Médio	2021
Mendes, A. C. O. <i>et al.</i>	OLATCG: ferramenta de Bioinformática para o ensino de genética no Ensino Médio	2022
Santos, Z. O.; Andrade, B. S.; Luz, R.	Estratégias computacionais para visualização de biomoléculas com aplicações para o ensino e estímulo à pesquisa em biologia no Ensino Médio	2024
Silva, M. A. F. <i>et al.</i>	Uso da Bioinformática como ferramenta de ensino em Biologia	2023
Souza, D. R.	Bioinformática para genética no Ensino Médio: uma proposta didática	2024
Strozienski, R. P.	O ensino de biologia molecular no nível médio da educação básica por meio de ferramentas da Bioinformática	2024

Tabela 1. Fonte: O autor, 2026.

RESULTADOS

A BIOINFORMÁTICA COMO INSTRUMENTO DE MODELAÇÃO TRIDIMENSIONAL

O ensino de Genética e Biologia Molecular na educação básica brasileira historicamente esbarra em dois obstáculos estruturais interligados: a extrema abstração dos fenômenos em escala nanomolecular e a crônica escassez de infraestrutura laboratorial nas escolas. Para transpor essas barreiras, a aplicação da Bioinformática tem se dado primariamente pela substituição ou complementação dos laboratórios físicos por *softwares* de visualização tridimensional e pela exploração de bancos de dados genômicos reais. Nessa configuração de

ensino, o ambiente de bancada é transposto para o aparato *in silico*, operando como uma verdadeira prótese visual e cognitiva para os estudantes.

A mitigação da "invisibilidade" celular através dessa aplicação tecnológica apresenta como resultado primordial a redução da abstração cognitiva. Santos, Andrade e Luz (2024) corroboram essa perspectiva ao demonstrarem que a adoção de estratégias computacionais para a visualização de biomoléculas atua como um mecanismo compensatório imediato frente às deficiências de infraestrutura física. Como impacto direto dessa intervenção, os autores observaram que os recursos digitais permitem a decodificação de estruturas complexas, estimulando a alfabetização científica dos alunos que, ao manipularem os modelos, deixam a posição de receptores passivos. Em convergência epistemológica, Strozienski (2024) postula que a aplicação sistemática de ferramentas de Bioinformática rompe com a limitação bidimensional imposta pelo livro didático convencional. O resultado dessa transposição é uma aprendizagem na qual o discente consegue explorar espacialmente o objeto de estudo, contornando a abstração inerente ao Dogma Central da Biologia Molecular.

A eficácia empírica dessa modelação é estatisticamente atestada por Silva *et al.* (2023). A aplicação de uma sequência didática amparada por plataformas computacionais resultou em aumento estatisticamente significativo no aprendizado sobre a organização estrutural das proteínas. A modelagem tridimensional elucidou a progressão da estrutura primária até a conformação terciária de maneira mais eficaz que o método puramente expositivo. O impacto central foi permitir que os estudantes compreendessem o dobramento proteico não como uma regra memorizada, mas como um fenômeno bioquímico dinâmico e espacialmente coerente.

Expandindo a aplicação para além da conformação proteica, a exploração ativa de bancos de dados genômicos consolida-se como uma estratégia vital de intervenção. Andrade *et al.* (2025) ilustram o "como fazer" ao utilizarem o acervo do National Center for Biotechnology Information (NCBI) em aulas de genética básica. Ao investigarem doenças autossômicas diretamente nas sequências genéticas reais depositadas na plataforma, a estratégia quebrou o paradigma tradicional. O resultado reportado evidencia que a manipulação de dados genéticos tornou a aula estruturalmente mais dinâmica e propiciou uma compreensão palpável sobre como as mutações operam para gerar fenótipos patológicos.

A transição desse modelo puramente contemplativo para a interação estruturada, contudo, transfere o foco analítico da simples visualização *in silico* para os desafios atrelados ao design instrucional. Uma vez mitigada a abstração visual, emerge a necessidade de compreender

como essas plataformas são construídas para o público adolescente e como são recepcionadas no chão da escola.

TRANSPOSIÇÃO DIDÁTICA E DESIGN DE PLATAFORMAS EDUCATIVAS

A transição da mera visualização estática para a interação ativa exige que as ferramentas computacionais não apenas existam, mas que sejam pedagogicamente acessíveis. Nesse escopo, a aplicação da Bioinformática tem se materializado por meio da utilização de plataformas estruturadas especificamente para o ambiente escolar, frequentemente aliadas a metodologias ativas, como o Ensino por Investigação. O foco desloca-se da potencialidade técnica do *software* bruto para o complexo processo de transposição didática.

A aplicação prática dessa diretriz é evidenciada no desenvolvimento e validação de plataformas como a OLATCG. Mendes *et al.* (2022) detalham o "como fazer" ao descreverem a arquitetura de um sistema desenhado para viabilizar procedimentos experimentais *in silico* adequados ao nível cognitivo dos alunos do Ensino Médio. A ferramenta atua como uma ponte metodológica, traduzindo a pesquisa genômica de bancada para o contexto da sala de aula.

No entanto, a mensuração dos resultados dessa aplicação revela complexidades inerentes ao processo de aprendizagem. Em estudo focado na aplicação empírica da OLATCG, Mendes *et al.* (2021) atestam que, embora a intervenção tenha reduzido satisfatoriamente a abstração da Genética Molecular, emergiu um gargalo epistemológico: observou-se uma considerável dificuldade discente em estabelecer conexões orgânicas entre a ciência de base (como o alinhamento de sequências) e a realidade estrutural do seu cotidiano. O resultado demonstra que a tecnologia, de forma isolada, tangibiliza o fenômeno biológico, mas não garante a sua imediata contextualização social sem uma mediação pedagógica direcionada.

Essa fricção na transposição didática é corroborada pela investigação de Souza (2024). Ao avaliar a eficiência da análise de sequências de DNA de primatas em turmas de Ensino Médio, o autor identificou que, apesar da efetiva melhoria no desempenho avaliativo final, a aplicação metodológica esbarrou em barreiras tecnológicas logo na fase inicial. O resultado evidencia a existência de uma curva de aprendizagem prévia indispensável para o manuseio das plataformas digitais, o que impõe ao professor não apenas o domínio do conteúdo biológico, mas também o papel de mediador de um letramento digital básico.

A despeito dessas barreiras ergonômicas e conceituais, o balanço dos resultados indica um saldo expressivamente positivo quanto ao engajamento. O peso do impacto na motivação

discente é quantificado com clareza no estudo de Cezar-de-Mello *et al.* (2023). Ao avaliarem o uso da Bioinformática como estratégia pedagógica ativa, os pesquisadores constataram uma excelente receptividade: 67% dos participantes classificaram a abordagem como atrativa. De forma ainda mais contundente para a validação do método, 83% do público pesquisado manifestou o desejo de realizar novas atividades pautadas no mesmo formato digital.

Esse alto índice de aceitação comprova que os benefícios cognitivos superam os atritos iniciais do letramento tecnológico. O anseio discente por um protagonismo continuado sinaliza que o aluno está preparado para deixar a condição de mero usuário de plataformas pré-estruturadas, pavimentando o terreno para a aplicação mais complexa da Bioinformática: a hibridização curricular em que o próprio estudante constrói e programa a lógica das biomoléculas.

HIBRIDIZAÇÃO CURRICULAR E O FOMENTO AO PENSAMENTO COMPUTACIONAL

A evolução da aplicação tecnológica no ensino de Ciências atinge o seu ápice metodológico na hibridização curricular. Neste terceiro eixo, a aplicação da Bioinformática transcende o uso de interfaces prontas, configurando-se pela inserção direta do ensino de lógica de programação nas aulas de Biologia. Essa abordagem alinha-se às demandas dos Itinerários Formativos do Novo Ensino Médio brasileiro, promovendo a fusão indissociável entre a Biologia Molecular e a Ciência da Computação. O foco da intervenção muda radicalmente: o estudante deixa a posição de operador de *softwares* para assumir o papel de construtor de rotinas algorítmicas biomoleculares.

A materialização empírica de "como fazer" essa integração é minuciosamente relatada por Costa *et al.* (2024). Os autores descrevem a aplicação de um projeto piloto focado no ensino de programação voltada à Bioinformática, utilizando a Aprendizagem Baseada em Investigação aliada a estratégias de gamificação. A intervenção consistiu em ensinar aos alunos do Ensino Médio linguagens de programação, como Scratch e Python, para que eles próprios modelassem processos celulares. O resultado prático e imediato dessa estratégia foi a transformação do ensino da transcrição do DNA: em vez de uma exposição descritiva, o tema tornou-se um desafio lógico-computacional.

O impacto cognitivo dessa hibridização é profundo. Ao programarem ativamente as regras de pareamento de bases nitrogenadas, os discentes internalizaram as propriedades

bioquímicas não pela memorização passiva do Dogma Central, mas pela construção do algoritmo que rege o fenômeno biológico. O resultado, portanto, é a transmutação da sala de aula em uma incubadora de letramento científico ativo, onde o jovem é estimulado a formular heurísticas para a resolução de problemas complexos.

Essa inserção precoce da lógica computacional no contexto biológico carrega resultados de longo prazo no campo vocacional e epistemológico, premissa fundamentada de forma contundente por Costa *et al.* (2026). A pesquisa evidencia que essa práxis vai muito além da fixação do conteúdo de Genética; ela atua como o vetor ideal para o desenvolvimento do pensamento computacional nas escolas públicas. O impacto relatado é a promoção da autonomia intelectual e o fortalecimento substancial das competências inerentes às carreiras STEM. O aluno não apenas entende a ciência; ele a codifica.

DISCUSSÃO

O balanço analítico dos três eixos revela um panorama metodológico promissor, porém tensionado pela realidade material e pedagógica do sistema educacional brasileiro. A aplicação da Bioinformática atua, como um catalisador cognitivo; contudo, a literatura revisada evidencia que o sucesso dessa transposição didática esbarra em gargalos infraestruturais, epistemológicos e formativos que demandam profunda reflexão crítica.

10

O primeiro ponto de tensão reside no paradoxo entre a inovação pedagógica e a exclusão digital. Autores como Santos, Andrade e Luz (2024) evidenciam que os recursos *in silico* mitigam a ausência de laboratórios físicos de biologia. Entretanto, essa aparente democratização do conhecimento científico colide frontalmente com as barreiras tecnológicas preliminares relatadas por Souza (2024). A dependência de infraestrutura de rede e de equipamentos funcionais nas escolas públicas impõe um risco real de aprofundamento das desigualdades educacionais. Esse contraste demonstra que a tecnologia é um excelente recurso de visualização, mas não pode ser considerada solução universal capaz de suprir, de forma isolada, o déficit estrutural do Estado nas instituições de ensino básico.

No âmbito epistemológico, a discussão avança para a ruptura existente entre a compreensão do modelo molecular e a realidade social do discente. O diagnóstico preciso de Mendes *et al.* (2021), que aponta a dificuldade dos alunos em conectar a ciência de base ao seu cotidiano estrutural, mesmo após a redução da abstração visual, alerta para os limites formativos inerentes ao *software*. A Bioinformática resolve o problema da “invisibilidade” celular.

Contudo, a contextualização sociobiológica de temas complexos, como transgenia, vacinas de mRNA e ancestralidade genética, exige mediação pedagógica intencional e rigorosa. O ambiente digital não substitui o letramento científico crítico; ele o exige.

Essa necessidade de uma mediação intencional redireciona o eixo da discussão para a urgência da formação docente continuada. A transição metodológica impulsionada pelo uso de bancos de dados como o NCBI (Andrade *et al.*, 2025) e plataformas instrucionais como a OLATCG (Mendes *et al.*, 2022) impõe uma reconfiguração irrevogável do perfil do professor de Biologia. O educador transmuta-se de transmissor do Dogma Central para curador de dados e mediador tecnológico. Sem um forte investimento na superação da lacuna de formação tecnológica dos docentes, mesmo as plataformas mais bem desenhadas para o Ensino Médio perdem sua exequibilidade prática no chão da escola.

A despeito desses obstáculos materiais e formativos, o corpus analisado consolida a urgência de expansão da área. A Bioinformática transcende o status de "metodologia ativa alternativa" para posicionar-se como um eixo estruturante contemporâneo. Conforme postulam Costa *et al.* (2026), a hibridização entre a biologia molecular e as linguagens de programação atende diretamente à demanda por fomento ao pensamento computacional. Essa integração reposiciona o ensino de Genética no Brasil como um território fértil para a promoção de competências STEM, preparando o estudante não apenas para compreender o código genético, mas para atuar de forma ativa e crítica na atual era dos dados biológicos.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A presente revisão integrativa propôs-se a investigar como a Bioinformática tem sido aplicada no Ensino Médio brasileiro e quais os impactos pedagógicos resultantes dessa transposição didática. A análise da literatura permite afirmar que a aplicação desta ciência nas escolas estrutura-se num gradiente de complexidade metodológica crescente, transitando da simples visualização estrutural para a programação algorítmica. Os resultados evidenciam que, independentemente do nível de complexidade adotado, a Bioinformática atua como um vetor incontestável para a modernização do ensino de Ciências, embora a sua eficácia plena permaneça condicionada a fatores estruturais e formativos.

No que concerne ao modo de aplicação, a transposição didática materializa-se em três eixos centrais: a utilização de *softwares* de modelação tridimensional para mitigar a abstração dos fenômenos moleculares; a adoção de plataformas instrucionais (como a OLATCG e o

NCBI) aliadas ao Ensino por Investigação; e, no seu expoente mais avançado, a integração de linguagens de programação (como Python e Scratch) nas aulas de Biologia. Os resultados destas intervenções são expressivos e quantificáveis. Observa-se uma redução da barreira cognitiva imposta pela invisibilidade celular, um aumento substancial no engajamento dos estudantes e, sobretudo, a promoção efetiva do pensamento computacional. O aluno deixa de ser um receptor passivo de “dogmas” genéticos para assumir o papel de investigador e produtor de tecnologia biomolecular.

Não obstante o inegável êxito cognitivo, a literatura alerta para um paradoxo estrutural que não pode ser negligenciado. O sucesso destas intervenções esbarra, frequentemente, na precariedade da infraestrutura tecnológica das escolas brasileiras e numa curva de aprendizagem inicial que gera atrito operacional. Ademais, atesta-se que a tecnologia, por mais sofisticada que seja, não tem a capacidade de contextualizar, por si só, a ciência de base com a realidade macrosocial do discente. Fica evidente que a redução da “invisibilidade” celular não garante a compreensão crítica de temas sociocientíficos complexos sem uma mediação pedagógica intencional e rigorosa.

Conclui-se, portanto, que a inserção da Bioinformática na educação básica brasileira exige uma reconfiguração do perfil docente na área de Ciências. O professor transmuta-se num mediador tecnológico, o que impõe a urgência de políticas públicas voltadas para a formação continuada, visando mitigar a falta de capacitação que ainda assola o corpo docente. Sob a perspectiva dos Novos Itinerários Formativos, a Bioinformática deixa de ser um mero recurso paliativo para a ausência de laboratórios físicos, consolidando-se como um eixo estruturante absolutamente vital. É o instrumento definitivo para a integração das áreas STEM, dotando os jovens do letramento científico e algorítmico necessário para intervir de forma crítica na contemporânea era dos dados biológicos.

REFERÊNCIAS

ANDRADE, F. dos S.; PEDROBON, D. C.; SOUSA, T. V.; ALKIMIN, E. R. Estratégia metodológica para utilização do NCBI como ferramenta para ensino de genética básica. **Revista Delos**, Curitiba, v. 18, n. 74, 2025. DOI: <https://doi.org/10.55905/rdelosv18.n74-103>. Acesso em: 2 mar. 2026.

CEZAR-DE-MELLO, P. F. T.; SOUSA, F. B. de; SANTOS, A. C. dos; COUTINHO, T. J. D. Há espaço para a Bioinformática no Ensino de Biologia? Lições de estudantes do Ensino

Médio. **Revista de Ensino de Bioquímica**, [S. l.], v. 21, n. 2, 2023. DOI: <https://doi.org/10.16923/reb.v21i2.1050>. Acesso em: 2 mar. 2026.

COSTA, H. L.; MAIA, G. C. F.; CHAVES, L. G. S.; MARIANO, D.; MELO-MINARDI, R. C. de. Teaching bioinformatics programming in high school: a case report. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE BIOINFORMÁTICA (BSB), 17., 2024, Vitória. **Anais [...]**. Porto Alegre: Sociedade Brasileira de Computação, 2024. p. 202-210. Acesso em: 2 mar. 2026.

COSTA, H. L.; MARIANO, D.; OLIVEIRA, L. M. de; COUTINHO, T. J. D.; MELO-MINARDI, R. C. de. Por que ensinar Bioinformática no Ensino Médio? **BIOINFO**, [S. l.], v. 6, p. 13, 2026. DOI: <https://doi.org/10.51780/bioinfo-06-13>. Acesso em: 2 mar. 2026.

MENDES, A. C. de O.; ASEM, É. C. de A. D.; SANTOS, G. S. dos; OLIVEIRA, M. de F. A. de. A Utilização de uma ferramenta de Bioinformática (OLATCG) para o ensino de Genética no Ensino Médio. In: ENCONTRO NACIONAL DE PESQUISA EM EDUCAÇÃO EM CIÊNCIAS, 14., 2021, Caldas Novas. **Anais [...]**. Caldas Novas: [s. n.], 2021.

MENDES, A. C. de O.; RAMOS, A. P. da S.; BARBOSA, L. M. V.; OLIVEIRA, M. de F. A. de. OLATCG: ferramenta de Bioinformática para o ensino de genética no Ensino Médio. **Revista REAMEC - Rede Amazônica de Educação em Ciências e Matemática**, Cuiabá, v. 10, n. 3, e22061, set./dez. 2022. DOI: <https://doi.org/10.26571/reamec.v10i3.13954>. Acesso em: 2 mar. 2026.

SANTOS, Z. O.; ANDRADE, B. S.; LUZ, R. da. Estratégias computacionais para visualização de biomoléculas com aplicações para o ensino e estímulo à pesquisa em biologia no Ensino Médio. **Revista de Iniciação à Docência**, [S. l.], v. 9, n. 1, e14854, 2024. DOI: <https://doi.org/10.22481/riduesb.v9i1.14854>. Acesso em: 2 mar. 2026.

13

SILVA, M. A. F. da; ANTUNES, M. B. de M. P.; MACEDO, L. R. de; ANTUNES, J. E. Uso da Bioinformática como ferramenta de ensino em Biologia. In: **Educação: as principais abordagens dessa área V.02**. [S. l.: s. n.], 2023. Cap. 80. DOI: <https://doi.org/10.56238/sevedi76016v22023-080>. Acesso em: 2 mar. 2026.

SOUZA, D. R. de; CARNEIRO, W. S. S. **Bioinformática para genética no Ensino Médio: uma proposta didática**. 2024. Trabalho de Conclusão de Curso (Licenciatura em Ciências: Química e Biologia) - Instituto de Ciências Exatas e Tecnologia, Universidade Federal do Amazonas, Itacoatiara, 2024.

STROZIENSKI, R. P. **O ensino de biologia molecular no nível médio da educação básica por meio de ferramentas da Bioinformática**. 2024. Trabalho de Conclusão de Curso (Licenciatura em Ciências Biológicas) - Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Ponta Grossa, 2024.

WHITTEMORE, R.; KNAFL, K. The integrative review: updated methodology. **Journal of Advanced Nursing**, [S. l.], v. 52, n. 5, p. 546-553, 2005. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2648.2005.03621.x>. Acesso em: 2 mar. 2026.